



PCT

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

<p>(51) 国際特許分類6 C12N 15/12, C07K 14/47, A01N 63/00</p>		<p>A1</p>	<p>(11) 国際公開番号 WO99/37767</p>
			<p>(43) 国際公開日 1999年7月29日 (29.07.99)</p>
<p>(21) 国際出願番号 PCT/JP98/03328</p>		<p>(81) 指定国 CA, US</p>	
<p>(22) 国際出願日 1998年7月24日 (24.07.98)</p>		<p>添付公開書類 国際調査報告書</p>	
<p>(30) 優先権データ 特願平10/11281 1998年1月23日 (23.01.98) JP</p>			
<p>(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 扶桑薬品工業株式会社 (FUSO PHARMACEUTICAL INDUSTRIES, LTD.) [JP/JP] 〒541-0045 大阪府大阪市中央区道修町1丁目7番10号 Osaka, (JP)</p>			
<p>(72) 発明者: および (75) 発明者/出願人 (米国についてのみ) 若宮伸隆 (WAKAMIYA, Nobutaka) [JP/JP] 〒567-0826 大阪府茨木市大池1丁目9-20 Osaka, (JP)</p>			
<p>(74) 代理人 弁理士 角田嘉宏, 外 (SUMIDA, Yoshihiro et al.) 〒650-0031 兵庫県神戸市中央区東町123番地の1 貿易ビル3階 Hyogo, (JP)</p>			
<p>(54) Title: NOVEL COLLECTIN</p>			
<p>(54) 発明の名称 新規コレクチン</p>			
<p>(57) Abstract A gene encoding a novel collectin protein which is expected to exhibit an antibacterial activity, an antiviral activity, etc. particularly in the human body, and its amino acid sequence.</p>			

(57)要約

特にヒトの体内で、抗細菌、抗ウイルス活性などを発揮することが期待される新規コレクチンタンパク質をコードする遺伝子及びそのアミノ酸配列を開示する。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

AE アラブ首長国連邦	ES スペイン	LI リヒテンシュタイン	SG シンガポール
AL アルバニア	FIR フィンランド	LK スリ・ランカ	SI スロヴェニア
AM アルメニア	FRA フランス	LR リベリア	SK スロヴァキア
AT オーストリア	GAB ガボン	LS レソト	SL シエラ・レオネ
AU オーストラリア	GBR 英国	LT リトアニア	SN セネガル
AZ アゼルバイジャン	GDE グレナダ	LV ルクセンブルグ	SZ スウェーデン
BA ボスニア・ヘルツェゴビナ	GEH グルジア	LV ラトヴィア	TD チャード
BB バルバドス	GM ガンビア	MC モナコ	TG トーゴー
BE ベルギー	GN ギニア	MD モルドavia	TJ タジキスタン
BF ブルキナ・ファソ	GW ギニア・ビサオ	MG マダガスカル	TM トルクメニスタン
BG ブルガリア	GR ギリシャ	MK マケドニア旧ユーゴスラヴィア	TR トルコ
BJ ベナン	HR クロアチア	ML マリ	TT トリニダッド・トバゴ
BR ブラジル	HU ハンガリー	MN モンゴル	UA ウクライナ
BY ベラルーシ	IDN インドネシア	MR モーリタニア	UG ウガンダ
CA カナダ	IEL アイルランド	MW マラウイ	US 米国
CF 中央アフリカ	IND インド	MX メキシコ	UZ ウズベキスタン
CG コンゴ	ISL イスラエル	NE ニジエール	VN ヴィエトナム
CH スイス	IST アイスランド	NL オランダ	YU ユーロースラビア
CI コートジボアール	ITP イタリア	NO ノルウェー	ZA 南アフリカ共和国
CM カメルーン	KE 日本	NZ ニュージーランド	ZW ジンバブエ
CN 中国	KG ケニア	PL ポーランド	
CU キューバ	KL キルギスタン	PT ポルトガル	
CY キプロス	KP 北朝鮮	RO ルーマニア	
CZ チェコ	KR 韓国	RU ロシア	
DE ドイツ	KZ カザフスタン	SD サーダン	
DK デンマーク	LC セントルシア	SE スウェーデン	
EE エストニア			

明細書

新規コレクチン

5 [技術分野]

本発明は、生体防御機構の解明に有用であり、また抗ウイルス活性などを含む生理活性を有することが期待され、医薬品用途への応用が可能であると考えられる、新規コレクチンに関する。

10 [背景技術]

コレクチンは、Ca²⁺要求性の糖認識領域 (CRD) 及びコラーゲン様領域を有するタンパク質の総称であり、細菌、ウイルスを始め様々な微生物に対する基礎免疫に関与していると考えられている。

これまでに見出されているコレクチンとして、マンナン結合タンパク質 (MBP) 、サーファクタントタンパク質A (SP-A) およびサーファクタントタンパク質D (SP-D) 、コングルチニンなどを挙げることができる。これらのコレクチンは、図1 (a) に示すような、(1) Ca²⁺要求性の糖認識領域 (CRD) 、(2) ネック領域、(3) コラーゲン様領域、及び(4) システインを含むN末端領域の4種の特徴的な領域を含む基本構造から構成されていることが知られており [Malhotraら、ヨーロピアン・ジャーナル・オブ・イムノロジー (Eur. J. Immunol.) 、22巻、1437～1445頁、1992年] 、この基本構造3個がコラーゲン様領域においてトリプルヘリックスを構成することによりサブユニットを形成し、さらにこのサブユニットが3量体、4量体、6量体等のオリゴマー構造を形成している。

脊椎動物では、細胞を介する免疫応答および特異的抗体反応によるメ

カニズムが、病原菌、ウイルスなどの侵入に対する最大の生体防御システムと考えられている。最近になって、コングルチニン等のレクチンによる非特異的な免疫応答への関与が示唆され、例えば、母親の移行抗体や特異的防御システムが充分に発達していない小児に対し、種々の微生物の中和作用や排除に重要な役割を果たしているとの報告がなされている [Superら、ランセット (Lancet)、2巻、1236～1239頁、1989年]。さらに、宿主の生体防御におけるこれらレクチンの役割について、例えば、MBPの遺伝子上の変異に起因したMBPの血中濃度の低下によって、宿主が感染を受けやすくなるという研究結果が報告されている [Sumiyaら、ランセット、337巻、1569～1570頁、1991年]。

本発明者らのグループは、以前に、コングルチニンおよびマンナン結合タンパク質が、H1およびH3タイプのインフルエンザAウイルスの感染や赤血球凝集活性を阻害することを見出した [Wakamiyaら、グライココンジュゲイト・ジャーナル (Glycoconjugate J.)、8巻、235頁、1991年; Wakamiyaら、バイオケミカル・アンド・バイオフィジカル・リサーチ・コミュニケーションズ (Biochem. Biophys. Res. Comm.)、187巻、1270～1278頁、1992年]。

その後さらに、コングルチニンをコードするcDNAクローニングを取得し、コングルチニンと種々のサーファクタントタンパク質D遺伝子との間の強い関連性も見出されている [Suzukiら、バイオケミカル・アンド・バイオフィジカル・リサーチ・コミュニケーションズ、191巻、335～342頁、1993年]。

このように、コレクチンは、生体防御機構の解明における有用性及び生理活性医薬物質としての有用性などが期待される物質であるが、このファミリーに属するさらなる他分子種の存在についての報告はなされていないという現状にある。

[発明の開示]

本発明は、かかる現状に鑑みてなされたものであり、特にヒトの体内で抗細菌、抗ウイルス活性などの生理活性を発揮することが期待される

5 新規コレクチンを得ることを目的とするものである。

すなわち、本発明は、

① 配列番号：2で示されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする塩基配列を含むポリヌクレオチド、

② 配列番号：1で示される塩基配列を含むポリヌクレオチド、

10 ③ Glu-Lys-Cys-Val-Glu-Met-Tyr-Thr-Asp-Gly-Lys-Trp-Asn-Asp-Arg-Asn-Cys-Leu-Gln-Ser-Arg-Leu-Ala-Ile-Cys-Glu-Phe（配列番号：3）で示される、コレクチンタンパク質のコンセンサス配列と高い相同意を有する遺伝子クローニングに基づいて作製されたプローブと、ストリンジエントな条件下でハイブリダイズすることができ、且つコレクチンタンパク

15 質をコードするポリヌクレオチド、

④ ①～③に記載のポリヌクレオチドとストリンジエントな条件下でハイブリダイズでき、該ポリヌクレオチドによってコードされるタンパク質が、（1）Ca²⁺要求性の糖認識領域（CRD）、（2）ネック領域、

（3）コラーゲン様領域、及び（4）システインを含むN末端領域を含む、ヒトコレクチンタンパク質であるポリヌクレオチド、

⑤ ③または④に記載のポリヌクレオチドによってコードされるコレクチンタンパク質、

⑥ 配列番号：2で示されるアミノ酸配列を含むコレクチンタンパク質、

⑦ 配列番号：1で示される塩基配列を有するポリヌクレオチドによって

20 コードされるアミノ酸配列を含むコレクチンタンパク質、ならびに

⑧ ⑤乃至⑦のいずれかに記載のコレクチンタンパク質のアミノ酸配列に

において、1または複数のアミノ酸が欠失、置換及び/または付加されたアミノ酸配列からなり、且つ、(1) C_{α}^{+} 要求性の糖認識領域(CRD)

、(2) ネック領域、(3) コラーゲン様領域、及び(4) システインを含むN末端領域を含む、コレクチンタンパク質をその要旨とし、

コレクチンに特徴的な構造を有し、従来報告されているものとは異なる新規のコレクチン遺伝子及びタンパク質を提供するものである。

[図面の簡単な説明]

図1は、従来報告されている主なコレクチンの基本構造及びタンパク質の概観を示す図である。

図2は、従来報告されている3種のコレクチンのアミノ酸配列のアラインメントの前半部分を示す図である。

図3は、図2と同様のアラインメントの後半部分を示す図である。

図4は、本発明の新規コレクチンの塩基配列を決定するために使用した各プライマーの名称と、シーケンサーにより読み取られた塩基配列を示す図(b)及び得られたコレクチンのORFを示す図(a)である。

図5は、従来報告されている3種のコレクチンと、本発明の新規コレクチンのアミノ酸配列のアラインメントの前半部分を示す図である。

図6は、図5と同様のアラインメントの後半部分を示す図である。

図7は、従来報告されている3種のコレクチンと、本発明の新規コレクチンの基本構造、すなわち、(a) システインを含むN末端領域、(b) コラーゲン様領域、(c) ネック領域及び(d) C_{α}^{+} 要求性の糖認識領域の比較を示す模式図である。

図8は、本発明の新規コレクチンのゲノミックサザン分析の結果を示す図である。

図9は、本発明の新規コレクチンの臓器分布を示す、ヒトの種々の組

組織、すなわち、(a) 心臓、(b) 脳、(c) 胎盤、(d) 肺、(e) 肝臓、(f) 骨格筋、(g) 腎臓及び(h) 腎臓に対するノーザン分析の結果を示す図である。

図10は、本発明の新規コレクチンの種間での保存性を示す、種々の脊椎動物、すなわち、(a) ヒト、(b) サル、(c) ラット、(d) マウス、(e) イヌ、(f) ウシ、(g) ウサギ及び(h) ニワトリにおけるゲノミックサザン分析の結果を示す図である。

図11は、種々のコレクチンの遺伝的系統樹を示す図である。

10 [発明を実施するための最良の形態]

上記のごとき、本発明によって提供される新規コレクチン遺伝子及びタンパク質において、特に、前記③におけるプローブが、以下の塩基配列すなわち、TTTGATGGAGGCTCCATACC (配列番号: 7) 及びCTGCCAACACACTCATCGCTG (配列番号: 8) で示される塩基配列を有するプライマーを用いて行ったPCR反応の増幅産物であることが、目的のコレクチンタンパク質をコードするポリヌクレオチドを取得するためには好ましい。

また、前記ポリヌクレオチドは、好ましくはcDNAである。

さらに、本発明のタンパク質は、ヒト由来であることが、ヒトの体内で抗細菌、抗ウイルス活性などを発揮できることが期待され、生理活性医薬物質としての有用性に鑑みて好ましい。従って、本発明のタンパク質は、ヒト由来のコレクチンタンパク質を企図するものであり、種々なヒト生体組織を検討したところ、有用と考えられるコレクチンタンパク質がヒト肝臓に発現されていることが示された。

上記③及び④におけるストリンジエントなハイブリダイゼーション条件としては、例えば、5 x SSC (20 x SSC (3 M NaCl, 0.3 M クエン酸ナ

トリウム) を4倍希釈することにより $5 \times$ SSCを調製) 、1%プロッキン
グ剤(ベーリンガー・マンハイム社製)、0.1% N-ラウロイルサルコシン、
0.02% SDSの溶液中で、68°Cにて1時間プレハイブリダイゼーション;
cDNAプローブ(10 ng/ml) を含む $5 \times$ SSC、1%プロッキング剤、

5 0.1% N-ラウロイルサルコシン、0.02% SDSの溶液中で、55°Cにて16時
間ハイブリダイゼーション; $2 \times$ SSC/0.1% SDS溶液で5分間2回洗浄;
55°Cにて、 $0.5 \times$ SSC/0.1% SDS溶液で15分間2回洗浄を行う一連の処理
工程を含むハイブリダイゼーションが含まれるが、当該技術分野における
10 知識に基づき、溶液濃度や温度、時間等の条件を適宜に変更すること
ができる。

また、上記⑧において、(4) システインを含むN末端領域には、シ
ステインが少なくとも1つ、好ましくは1つ含まれる。

そして、上記⑧における、1または複数のアミノ酸の欠失、置換及び
15 /または付加とは、コレクチンタンパク質の親水性・疎水性、酸性・塩
基性、含有基などに大幅な変化をきたさず、上記4種の領域、(特に
(1) Ca^{2+} 要求性の糖認識領域(CRD)及び(3)コラーゲン様領域)
の有する各々の特徴を変えることが少ない範囲でのアミノ酸の欠失、置
換及び/または付加を称する。これまでに報告されているコレクチンフ
ァミリーのタンパク質のアミノ酸配列とその構造に基づき、例えば
20 (1) Ca^{2+} 要求性の糖認識領域(CRD)及び(2)ネック領域において
1~10程度、(3)コラーゲン様領域において1~100程度、好ましくは
1~15、ならびに(4)システインを含むN末端領域とシグナル配列に
において1~20程度のアミノ酸の欠失、置換及び/または付加が許容され
ると考えられる。

25 以下に、本発明の新規コレクチンに関して、実施例に沿って詳細に説
明するが、これら実施例の開示によって、本発明が限定的に解釈される

べきでないことは勿論である。

すなわち、ESTデータベースの検索（実施例1）、スクリーニング用プローブの作製（実施例2）、ヒト肝臓由来cDNAライブラリーのスクリーニング（実施例3）、新規コレクチンの塩基配列の決定（実施例4）、
5 新規コレクチンのゲノミックサザン分析（実施例5）、新規コレクチンのヒトの種々の組織に対するノーザン分析（実施例6）、新規コレクチンの種々の動物種の組織についてのゲノミックサザン分析（実施例7）ならびに新規コレクチンの遺伝学的解析（実施例8）について以下に説明する。

10 実施例1：ESTデータベースの検索

既知のコレクチンすなわち、MBP、SP-A及びSP-Dのアミノ酸配列（図2及び3参照、図中、相同と認められるアミノ酸残基部分に曲みを付した）を比較することにより、分子間に保存性の高い領域の検索を行った。

この結果、ヒトMBPのアミノ酸配列における第220番目から246番目までの27アミノ酸（図3、白抜文字部分）に保存性が高いことが明かとなったので、この領域に相当するコンセンサス配列をいくつか作成し、EST
15 (Expressed Sequence Tags) データベースの検索を行った。ESTデータベースは、1996年10月11日に、676750件の配列を含むものを使用した。

その結果、相同性の高いアミノ酸配列を含むデータがいくつか得られた。得られたデータのアミノ酸配列についてGenBank/ESTデータベースの検索を行い、既知または未知物質のいずれであるかを判定した結果、コンセンサス配列として、

Glu-Lys-Cys-Val-Glu-Met-Tyr-Thr-Asp-Gly-Lys-Trp-Asn-Asp-Arg-Asn-Cys-Leu-Gln-Ser-Arg-Leu-Ala-Ile-Cys-Glu-Phe (配列番号：3) で示されるアミノ酸配列を用いたときに得られたデータの中に、相同性は高いが未知の塩基配列を含むデータ（登録番号：R29493）を得ることができ

た。これは、22週令のヒト胎児肝臓cDNAライブラリー由来のクローン（F1-1006D）で、5'末端側の326塩基の配列を示すデータであった。

そこで、このデータのもとになるクローンを保有しているPohang Institute of Science & Technology（韓国、Pohang）のHee-Sup Shin氏に当該クローンを分譲していただいた。このクローンのインサートサイズは約600 bpで、5'末端側は配列番号：4に示される塩基配列に引き続き組み込まれ、3'末端はXbaIサイトでプラスミドpSK（-）（pBluescript II SK（-））に組み込まれていた。

実施例2：スクリーニング用プローブの作製

10 上記クローンのインサートをEcoRI及びXbaIで切り出し、pUC18に組み込み、プライマー（ファルマシア社製、M13 Universal Primer（配列番号：5、5'-フルオレセイン-CGACGTTGTAAMACGACGGCCAGT-3'）及びM13 Reverse Primer（配列番号：6、5'-フルオレセイン-CAGGAAACAGCTATGAC-3'））で塩基配列を決定した。

15 この塩基配列から読取枠をコレクチンのアミノ酸配列に合わせて、そこから読み取ることができるアミノ酸配列に相当する塩基配列を抽出し、この一部分に相当するジゴキシゲニン（DIG）ラベルcDNAプローブ用プライマー（Reverse プライマー、配列番号：7及びForward プライマー、配列番号：8）を、アプライドバイオシステムズ社製392A DNA/RNAシンセサイザーを用いて作製した。DIGラベルは、PCR DIGプローブ合成キット（ベーリンガー・マンハイム社製）を用いて行った。反応組成は以下のとおりである（クローン（F1-1006D）のインサートをEcoRI及びXbaIで切り出したDNA断片（4.4 ng/μl）：12 μl（52.8 ng）、10 x 緩衝液：5 μl、25 mM MgCl₂：5 μl、dNTP（PCRラベリングミックス）：2.5 μl、20 μM Reverse プライマー：2.5 μl、20 μM Forward プライマー：5 μl、H₂O：18 μl、Taq ポリメラーゼ：0.5 μl）。PCR反応は、ア

ト-社製ザイモリアクターを用いて、92°C 1分、55°C 1分、72°C 2分のサイクルを35回行った。

実施例3：ヒト肝臓由来cDNAライブラリーのスクリーニング

先ず、以下のようにファージcDNAライブラリーのタイトレーションを行った。

mLB培地 (10 mM MgSO₄及び0.2%マルトースを含むLB培地 (1 g トリプトン、0.5 g イーストエキストラクト、0.5 g NaCl/100 mL) で37°Cにて16時間培養した Escherichia coli Y1090r⁻ 0.2 mLと、SM 緩衝液 (5.8 g NaCl、2 g MgSO₄・7H₂O、2 M Tris-HCl (pH 7.5) 25 mL、5 mL 1.2%ゼラチン/L) で段階希釈したcDNAライブラリー0.1 mLを37°C15分インキュベートし、その後2.5 mLのLB-TOP アガー (0.75%アガー/LB培地) に加え均一とし、90mmのLB培地プレート (岩城硝子社製) (1.5%アガー/LB培地) にまいた。15分間室温で固化させ、42°Cにて5時間インキュベーションした。各プレートのブラークを計数後、ファージのタイターを計算により求めた。その結果、タイターは 2.3×10^{11} pfu/mLであった。

このようにタイトレーションを行ったcDNAライブラリーにつき、実施例2で作製したプローブを用いて以下の通りにスクリーニングを行った

mLB培地で37°Cにて16時間培養した Escherichia coli Y1090r⁻ 0.6 mLと SM 緩衝液で希釈したcDNAライブラリー 1×10^5 pfuを、37°Cにて15分間インキュベートし、その後7.5 mL LB-TOP アガロース (0.75%アガロース) に加えて均一とした。これを140 mm²のLB培地角プレート (日本製薬社製) にまいたものを10枚作製し、15分間室温で固化させ、42°Cにて5時間インキュベーションした。ブラーク形成を確認後、次に、ナイロンメンブレンへの転写を行った。転写は、ナイトラン (Nytran) 13N (シュライヒャーアンドシュウェル社製 (Schleicher and Schuell Co.)) を用いて行った。12.5 cm x 9.0 cmのフィルターを蒸留水に浸けて10

分間湿らせた後、ワットマン3MM紙上において余分な水分を除去し、ブラークを形成したフレート上にフィルターを置いた。2分間放置した後、
5 フィルターを剥がし、10分間風乾させた。0.2 M NaOH/1.5 M NaClにより
2分間ファージDNAを変性させ、0.4 M Tris-HCl (pH7.6) / 2 x SSCで2
分間中和し、2 x SSCで2分間洗浄を行った。その後、GS GENE LINKER (バイオラッド社製) で紫外線照射することによりメンブレンに固定した。
10 ハイブリダイゼーションおよびシグナルの検出は以下の様に行った。
フィルターを2 x SSCで湿らせ、余分な水分をワットマン3MM紙で除去し、ハイブリダイゼーションバックに移しハイブリダイゼーション溶液 (5 x SSC, 1%ブロッキング剤、0.1% N-ラウロイルサルコシン、0.02% SDS) と68°Cにて1時間プレハイブリダイゼーションを行った。続いて、バックからハイブリダイゼーション溶液を除き、そこへDIGでラベルしたcDNAプローブを10 ng/mlになるように調製したハイブリダイゼーション溶液を加え、55°Cにて16時間ハイブリダイゼーションを行った。ハイブリダイゼーション終了後、フィルターは室温にて2 x SSC/0.1% SDS溶液で5分間、2回洗浄し、55°Cにて、0.5 x SSC/0.1% SDS溶液で15分間2回洗浄した。次にDIG緩衝液I (100 mM Tris-HCl, 150 mM NaCl (pH7.5)) で1分間、SDSを除去し、DIG緩衝液II (1%ブロッキング剤、DIG緩衝液I) で30分間、フィルターのブロッキングを行った。DIG緩衝液Iで1分間洗浄し、次いでDIG緩衝液IIで抗DIGアルカリフォスファターゼ標識抗体 (ベーリンガー・マンハイム社製) を5000倍希釈した溶液を加えて、30分間抗体反応を室温で行った後、室温でDIG緩衝液Iで15分間2回洗浄した。DIG緩衝液III (100 mM Tris-HCl, 100 mM NaCl (pH 9.5) 、50 mM MgCl₂) で3分間処理することによりMg²⁺の濃度を高め、NBT/BCIP (和光純薬社製) をDIG緩衝液IIIに加えた溶液で発色させたところ、13個の陽性クローンが得られた。これらのクローンに相当するブラー

ークをプレートから切り出し、SM緩衝液1 mlを入れたチューブに加え、10分間搅拌した後SM緩衝液で段階希釈し、この希釈液0.1 mlとmLB培地で37°C 16時間培養したEscherichia coli Y1090r 0.2 mlを混ぜ、37°Cにて15分間インキュベートした。その後、混合液を2.5 ml LB-TOPアガロースに加えて均一とし、90mmφ LB培地プレートにまいたものを10枚作製し、15分間室温で固化させ、42°Cにて5時間インキュベーションし、いくつかのブラークを得、一次スクリーニングと同様にして二次スクリーニングを行った。

実施例4：新規ヒトコレクチンの塩基配列の決定

10 二次スクリーニングで得られた陽性クローンのうち適切と考えられる2クローン (HL11-3M、HL11-9) のブラークをプレートから切り出し、SM緩衝液 1 mlを入れたチューブに加えて搅拌した後、50 μlをmLB培地で37°C 16時間培養したEscherichia coli Y1090r 50 μlと共にmLB培地4.95 mlに加え、37°Cにて16時間培養した。クロロホルム1滴を加え、3分間搅拌した後、10,000 rpmで5分間遠心分離し、上清を得た。

15 得られた上清を鋳型とし、TaKaRa LA PCR Kit Ver. 2 (宝酒造社製) を用い、PCRによりインサートDNAを増幅させた。PCRの反応組成は以下の通りである (上清 : 11 μl、10 x LA PCR 緩衝液 11 (Mg²⁺不含) : 2.5 μl、25 mM MgCl₂ : 5 μl、dNTPミックス : 8 μl、20 μM λgt11 Reverseプライマー (配列番号 : 9、5' -TTGACACCAGACCAACTGGTAATG-3') : 2.5 μl、20 μM λgt11 Forwardプライマー (配列番号 : 10、5' -GGCGACGACTCCTGGAGCCCG-3') : 1 μl、LA Taq ポリメラーゼ : 0.5 μl、H₂O : 全容量50 μl) になるように添加)。PCR反応は、アプライドバイオシステムズ社製ジーンAmp PCRシステム9600を用いて、98°C 10秒、68°C 5分のサイクルを30回行った。PCR産物は、1%アガロースゲル電気泳動にて確認後、ゲルからの切り出しにより精製した。精製には、ファルマシ

ア社製Sephaglas BandPrep Kitを用いた。

切り出したDNA断片は、インビトロジエン社製TAクローニングキットの

pCR2.1ベクターに組み込んだ。組換えたベクターは、インビトロジエン

社製TAクローニングキットに含まれるTOP10F'細胞に形質転換した。形質

5 転換体をLB培地 (100 μg/ml アンピシリン) で培養し、アルカリSDS法に

より各クローナにつき2種類 (HL11-3M-1、HL11-3M-2、HL11-9-1、HL11

-9-2) のプラスミドを抽出し、ファルマシア社製 オートリード・シーケ

ンシング・キットおよびA.L.F.オートシーケンサーで塩基配列の決定を行った。

プライマーはまずオートリード・シーケンシング・キット添付

10 のM13 Universal Primer (配列番号: 5) およびM13 Reverse Primer (

配列番号: 6) を用い、以後、明らかになった塩基配列をもとにFITC (

ファルマシア社製 Fluore Prime) にてラベルした以下のプライマー

(3MU0~9R3) をDNA/RNAシンセサイザーを用いて作製し、全領域の配列

を決定した。

15 3MU0: 5'-フルオレセイン-TAATGCTAGGGACCGGGCGCT-3' (配列番号: 1-1)、

3MU1: 5'-フルオレセイン-AAACCCAAATTATACCTCCTGG-3' (配列番号: 1-2)、

3MU2: 5'-フルオレセイン-AATATTGGCAAGACTGGGCC-3' (配列番号: 1-3)、

3MR1: 5'-フルオレセイン-GATGAGTGTGTTGGCAGCAT-3' (配列番号: 1-4)、

3MR2: 5'-フルオレセイン-GTATCTTCCACAAATCACAGA-3' (配列番号: 1-5)、

20 3MR3: 5'-フルオレセイン-TTAATTCCTTCGGCCCCAT-3' (配列番号: 1-6)、

3MR4: 5'-フルオレセイン-GCAAAAGAAATAGTACCAAGG-3' (配列番号: 1-7)、

3MR5: 5'-フルオレセイン-CATATCACCCAGTTCTCCTT-3' (配列番号: 1-8)、

9U1: 5'-フルオレセイン-AGCAGGGATTAGGGAAACTG-3' (配列番号: 1-9)、

9U3: 5'-フルオレセイン-CTGTGAGCGTCATTACAGTT-3' (配列番号: 2-0)、

25 9U4: 5'-フルオレセイン-GGTTGTCTATATGTCAAATG-3' (配列番号: 2-1)、

9U5: 5'-フルオレセイン-TATGCCATGGCTATACTTG-3' (配列番号: 2-2)、

7U3 : 5'-フルオレセイン-ATCGCTGACTATGTTGCCAA-3' (配列番号: 23)、

9R1 : 5'-フルオレセイン-CAAGTATAGCCATGGCCATA-3' (配列番号: 24)、

9R2 : 5'-フルオレセイン-AACTGTAATGACGGCTCACAG-3' (配列番号: 25)、

9R3 : 5'-フルオレセイン-CATTTGACATATGAAACAACC-3' (配列番号: 26)

5 その結果、得られたcDNAクローンは配列番号: 1に示される1295塩基を含み、831塩基のORF (転写解読枠) を有し、配列番号: 2に示される277のアミノ酸をコードしていた。

この塩基配列決定における概略は、図4に示す通りである。図4 (a) に得られたコレクチンのORFが示され、この中のG-X-Yはコラーゲン様領域を表すものである。また、図4 (b) に、上記各プライマーナイマー名、シーケンサーにより読み取られた塩基配列 (矢印により表される) 、ならびにM13 Universal Primer (Uで表される) およびM13 Reverse Primer (Rで表される) を示す。

15 図5及び6には、従来報告されている3種のコレクチンタンパク質のアミノ酸配列と、本発明のコレクチンタンパク質のアミノ酸配列のアラインメントを示す。図2及び3と同様に、相同性を有するアミノ酸残基部分に枠を付した。

20 さらに、この新規コレクチンタンパク質の配列の構造的特徴について調べたところ、図7の模式図の通り、既知のコレクチン同様、(a) システインを含むN末端領域、(b) コラーゲン様領域、(c) ネック領域及び(d) 糖認識領域により構成されていることが示された。

25 しかしながら、GenBankデータベースでDNA及びアミノ酸についての相同性の検索を行った結果によれば、得られたタンパク質の配列は、従来見出されているコレクチンとは異なる新規のコレクチンのものであることが明らかとなった。

実施例5：新規コレクチンのゲノミックサンalysis

実施例4において明らかにされたcDNA配列を有する新規コレクチンの遺伝子が、シングルコピー遺伝子であるかまたはマルチコピー遺伝子であるかを明らかにするために、ゲノミックサザン分析を行った。

胎盤より抽出したゲノムDNAの4 μ g相当量を、制限酵素のEcoR1、Hind III、BamH1、XbaIまたはSacIで消化し、0.7%アガロースゲルにて、100 mAで3時間電気泳動した。泳動終了後、ナイロンメンブレン（ナイトラン13N）に転写して、分析用のメンブレンを作製した。転写は、先ず、電気泳動後のゲルを100 mlの0.25 N HClに10分間浸し、蒸留水で3回洗浄した後、100 mlの変性液（1.5 M NaCl、0.5 M NaOH）に15分間2回浸し、100 mlの中和液（0.5 M Tris-HCl、3 M NaCl（pH 6.8））に30分間浸すことによって脱ブリン化、変性及び中和の処理を施し、次いでバキュームプロッティングシステム（東洋紡エンジニアリング社製、VB-30）を用いて転写した。この際、メンブレンは、2 x SSCに5分間、次に20 x SSCに5分間浸漬して前処理したもの用い、パッドは、20 x SSCをしみこませておいたものを用いた。転写終了後、UV照射により固定処理を施した。

サザン分析のためのハイブリダイゼーション用プローブとしては、実施例4で得られた新規コレクチンのcDNA配列のORFに相当する部分を、前記のPCR DIGプローブ合成キットを用いてDIGラベルしたDNAプローブを用いた。ハイブリダイゼーションの前に、プローブは10分間煮沸し、5分間ドライアイス／エタノールで急速凍結処理しておいた。

先ず、転写後のメンブレンを2 x SSCに5分間浸し、ExpressHyb Hybridization Solution（クローンテック社製）10 ml中で68°Cにて30分間プレハイブリダイゼーションを行った。次いで、前記凍結処理後のプローブをExpressHyb Hybridization Solutionで10 ng/mlとなるように希釈し、この溶液2 mlを用いて、68°Cにて1時間ハイブリダイゼーション

を行った。

ハイブリダイゼーション後のメンブレンの洗浄は、2 x SSC、0.1% SDS溶液20 mlで室温にて5分間ずつ2回振盪し、続いて0.2 x SSC、0.1% SDS溶液20 mlで68°Cにて15分間ずつ2回振盪しながら行った。SDSを除

5 去するために、DIG緩衝液I (100 mM Tris-HCl、150 mM NaCl (pH 7.5)) 50 mlで室温にて1分間2回洗浄し、次にDIG緩衝液II' (1.5%プロッキング剤、DIG緩衝液I) 50 mlで室温にて1時間プロッキングを行った。次いで、0.2%Tween20を含むDIG緩衝液Iで5000倍に希釈しておいた抗DIGアルカリホスファターゼ標識抗体10 mlで30分間処理し、0.2%Tween10 20を含むDIG緩衝液Iを50 ml用い室温にて20分間、振盪しながら洗浄を2回行った。10 mlのDIG緩衝液IIIに室温にて3分間2回浸した後、メンブレンをハイブリバックに移し、DIG緩衝液IIIで100倍に希釈しておいたCSPD (登録商標、ベーリンガー・マンハイム社製、化学発光基質) を全体にゆきわたるように延ばし、インスタンットフィルム57 (ポラロイド社製) 上で感光させた。

この結果、図8の各レーンに示されるように、各制限酵素で処理したゲノムDNAより、それぞれ1~2個のシグナルしか検出されないので、得られた新規コレクチン遺伝子がシングルコピー遺伝子であることが推測された。

20 実施例6：新規コレクチンのヒトの種々の組織についてのノーザン分析

本発明の新規コレクチンのmRNAの種々の組織における発現を調べるために、ノーザンハイブリダイゼーションにより解析を行った。

ハイブリダイゼーション用プローブとしては、得られた新規コレクチンのcDNA配列 (配列番号: 1) のORFに相当する部分を、DIG RNAラベリングキット (SP6/T7、ベーリンガー・マンハイム社製) を用いてDIGラベ

ルしたRNAプローブを用い、また、メンブレンは、Human Multiple Tissue Northern (MTN) Blot (クローンテック社製) を用いて実施した。このメンブレンは、ヒト (a) 心臓、(b) 脳、(c) 胎盤、(d) 肺、(e) 肝臓、(f) 骨格筋、(g) 腎臓、及び (h) 脾臓から得られたポリア⁺ RNAをそれぞれ2 μ gずつ、1.2%ホルムアルデヒド変性アガロースグルで電気泳動した後、電荷が改変されたナイロンメンブレンに転写し、UV照射により固定処理を施したものである。

以上のプローブとメンブレンを用いて、下記の工程に従ってハイブリダイゼーションを行った。先ず、2 x SSCにメンブレンを5分間浸し、10mlのハイブリダイゼーション溶液(5 x SSC、10 x デンハーツ溶液、10 mM リン酸ナトリウム緩衝液 (pH 6.5)、50%ホルムアミド、0.5% SDS、0.1 mg/ml サケ精子DNA) 中で65°Cにて3時間プレハイブリダイゼーションを行い、プローブ (10分間煮沸し、5分間ドライアイス-エタノールで急速凍結処理しておいたもの) を1 μ g/mlになるようにハイブリダイゼーション溶液で希釈して、この溶液2 mlを用いて65°Cにて18時間ハイブリダイゼーションを行った。

ハイブリダイゼーション後のメンブレンの洗浄は、2 x SSC、0.1%SDS 溶液20 mlで室温にて5分間2回振盪し、続いて0.1 x SSC、0.1%SDS溶液20 mlで、68°Cにて15分間2回、振盪しながら行った。SDSを除去するために、50 mlのDIG緩衝液Ⅰで室温にて1分間2回洗浄し、次に50 mlのDIG緩衝液Ⅱ'で、室温にて1時間ブロッキングを行った。次いで、0.2%Tween20を含むDIG緩衝液Ⅰで5000倍に希釈しておいた抗DIGアルカリホスファターゼ標識抗体を10 ml用いて30分間処理し、0.2%Tween20を含むDIG緩衝液Ⅰを50 ml用い室温にて20分間、振盪しながら洗浄を2回行った。10 mlのDIG緩衝液Ⅲに室温にて3分間2回浸した後、メンブレンをハイブリバックに移し、DIG緩衝液Ⅲで100倍に希釈しておいたCSPDを全

体にゆきわたるように延ばし、インスタントフィルム612（ボラロイド社製）上で感光させた。

この結果を図9に示すが、本発明のコレクチンの、1.2 kbp及び3.8 kbpのmRNAが、肝臓（レーンe）及び胎盤（レーンc）で発現されており、特に肝臓において多量に発現が認められ、胎盤では若干量発現していることが明らかとなった。

実施例7：新規コレクチンの種々の動物についてのゲノミックサザン分析

本発明のコレクチンの遺伝子が、他の動物種において保存されているか否かを明らかにするために、ゲノミックサザン分析を実施した。

ハイブリダイゼーション用プローブとしては、前記の新規コレクチンのcDNA配列のORFに相当する部分を、PCR DIGプローブ合成キット（ベーリンガー・マンハイム社製）を用いてDIGラベルしたDNAプローブを用い、メンブレンは、ZOO-BLOT（クローンテック社製）を用いて実施した。このメンブレンは、（a）ヒト（胎盤）、（b）サル（Rhesus）（腎臓）、（c）ラット（Sprague-Dawley）（腎臓）、（d）マウス（Balb/c）（腎臓）、（e）イヌ（腎臓）、（f）ウシ（腎臓）、（g）ウサギ（腎臓）及び（h）ニワトリ（肝臓）から得られたゲノムDNAをそれぞれ4 μgずつ、制限酵素EcoRIで処理し、アガロースゲルで電気泳動した後に、電荷が改変されたナイロンメンブレンに転写し、UV照射により固定処理を施したものである。

以上のプローブとメンブレンを用いて、下記の工程に従ってハイブリダイゼーションを行った。先ず2 × SSCにメンブレンを5分間浸し、10 mlのExpressHyb Hybridization Solution中で65°Cにて30分間ブレハイブリダイゼーションを行った。次いで、前記と同様に凍結処理されたプローブをExpressHyb Hybridization Solutionで10 ng/mlとなるように希

析し、この溶液2 mlを用いて、65°Cにて1時間ハイブリダイゼーションを行った。

ハイブリダイゼーション後のメンブレンの洗浄は、2x SSC、0.1% SDS溶液20 mlで室温にて5分間2回振盪し、続いて0.2 x SSC、0.1% SDS溶

5 液20 mlで68°Cにて15分間ずつ2回振盪しながら行った。SDSを除去するために、DIG緩衝液Iで室温にて1分間2回洗浄し、次に50 mlのDIG緩衝液IIで、室温にて1時間ブロッキングを行った。次いで、0.2% Tween 20を含むDIG緩衝液Iで5000倍に希釈しておいた抗DIGアルカリホスファターゼ標識抗体を10 ml用いて30分間処理し、0.2% Tween20を含むDIG緩

10 衝液Iを50 ml用い室温にて20分間、振盪しながら洗浄を2回行った。

10 mlのDIG緩衝液IIIに室温にて3分間2回浸した後、メンブレンをハイブリバックに移し、DIG緩衝液IIIで100倍に希釈しておいたCSPDを全体にゆきわたるように延ばし、インスタントフィルム57上で感光させた。

15 この結果を図10に示すが、ニワトリ（レーンh）を除くすべてのレーンにおいてシグナルが認められることから、本発明のコレクチン遺伝子は、哺乳類において保存されていることが明らかとなった。

実施例8：新規コレクチンの遺伝学的解析

得られたコレクチンのDNA配列に基づき、既知のコレクチンとの遺伝的位置付けを明らかにするために解析を行い、遺伝的系統樹を作成した。

20 解析の対象としたコレクチンは、ヒトMBP（マンナン結合タンパク質）、ヒトSP-A（サーファクタントタンパク質A）、ラットMBP-A、ラットMBP-C、ラットSP-D、マウスマBP-A、マウスマBP-C、ウサギMBP、サルMBP-A、サルMBP-C、ウシSP-D、ウシMBP、ウシコングルチニン（bKg）、ウシコレクチン-13(CL43)であり、GenBankデータベースからそれぞれのアミノ酸配列を検索し、得られたデータをもとにレクチンドメインを含む領域を用いてclustalw法でマルチブル・アラインメントを作成し、それらを

もとにN-J法を用い、PhyliP Version 3.57c packageプログラムを用いて遺伝的系統樹を作成した。

その結果を図11に示すが、SP-D、ウシコレクチン-I3及びウシコングルチニンで1つのクラスターを形成し、さらにMBP及びSP-Aでそれぞれ別

5 りにクラスターを形成していたが、本発明のコレクチン遺伝子はこれらのいずれのクラスターにも属していないことが示された。従って、本発明のコレクチンは、従来報告されているコレクチンとは遺伝的に異なるクラスターを形成するものと推測された。

10 [産業上の利用可能性]

以上説明したように、本発明によってコレクチンに特徴的な構造を有し、従来報告されているものとは異なる新規のコレクチン遺伝子及びタンパク質が提供される。これらは、特にヒトの体内で抗細菌、抗ウイルス活性などを發揮することが期待され、医薬品用途への応用が可能であり、さらに生体防御機構の解明にも有用である。

15

請求の範囲

1. 以下のアミノ酸配列すなわち、

Met-Asn-Gly-Phe-Ala-Ser-Leu-Leu-Arg-Arg-Asn-Gln-Phe-Ile-Leu-Leu-
 5 Val-Leu-Phe-Leu-Leu-Gln-Ile-Gln-Ser-Leu-Gly-Leu-Asp-Ile-Asp-Ser-
 Arg-Pro-Thr-Ala-Glu-Val-Cys-Ala-Thr-His-Thr-Ile-Ser-Pro-Gly-Pro-
 Lys-Gly-Asp-Asp-Gly-Glu-Lys-Gly-Asp-Pro-Gly-Glu-Gly-Lys-His-
 Gly-Lys-Val-Gly-Arg-Met-Gly-Pro-Lys-Gly-Ile-Lys-Gly-Glu-Leu-Gly-
 Asp-Met-Gly-Asp-Arg-Gly-Asn-Ile-Gly-Lys-Thr-Gly-Pro-Ile-Gly-Lys-
 10 Lys-Gly-Asp-Lys-Gly-Glu-Lys-Gly-Leu-Leu-Gly-Ile-Pro-Gly-Glu-Lys-
 Gly-Lys-Ala-Gly-Thr-Val-Cys-Asp-Cys-Gly-Arg-Tyr-Arg-Lys-Phe-Val-
 Gly-Gln-Leu-Asp-Ile-Ser-Ile-Ala-Arg-Leu-Lys-Thr-Ser-Met-Lys-Phe-
 Val-Lys-Asn-Val-Ile-Ala-Gly-Ile-Arg-Glu-Thr-Glu-Glu-Lys-Phe-Tyr-
 Tyr-Ile-Val-Gln-Glu-Glu-Lys-Asn-Tyr-Arg-Glu-Ser-Leu-Thr-His-Cys-
 15 Arg-Ile-Arg-Gly-Gly-Met-Leu-Ala-Met-Pro-Lys-Asp-Glu-Ala-Ala-Asn-
 Thr-Leu-Ile-Ala-Asp-Tyr-Val-Ala-Lys-Ser-Gly-Phe-Phe-Arg-Val-Phe-
 Ile-Gly-Val-Asn-Asp-Leu-Glu-Arg-Glu-Gly-Gln-Tyr-Met-Phe-Thr-Asp-
 Asn-Thr-Pro-Leu-Gln-Asn-Tyr-Ser-Asn-Trp-Asn-Glu-Gly-Glu-Pro-Ser-
 Asp-Pro-Tyr-Gly-Ile-Glu-Asp-Cys-Val-Glu-Met-Leu-Ser-Ser-Gly-Arg-
 20 Trp-Asn-Asp-Thr-Glu-Cys-His-Leu-Thr-Met-Tyr-Phe-Val-Cys-Glu-Phe-
 Ile-Lys-Lys-Lys-Lys (配列番号: 2)

からなるタンパク質をコードする塩基配列を含むポリヌクレオチド。

2. 以下の塩基配列すなわち、

25 cagcaatgaa tggcttgcg tcccttgttc gaagaaaacca atttatcctc
 cggtaactat ttccttgcg aattcagagt cggggcggg aatattgatag

aageccttat atgggggact ttagcttgg tggcttgtt cagaccatgt
 ggaatgataa atacctttt tggcttctg atctatcgat ttcaactaaca
 tataccaagt agggtgtttt aacccctttc tggtaggctca caccttaatc
 tcaggccct atatagtcac actttgattt aagaaaaacg gagcc

5 (配列番号：1) で示される塩基配列を含むポリヌクレオチド。

3. 以下のアミノ酸配列すなわち、

Glu-Lys-Cys-Val-Glu-Met-Tyr-Thr-Asp-Gly-Lys-Trp-Asn-Asp-Arg-Asn-
 Cys-Leu-Gln-Ser-Arg-Leu-Ala-Ile-Cys-Glu-Phe (配列番号：3)

で示される、コレクチンタンパク質のコンセンサス配列と高い相同意を
 10 有する遺伝子クローンに基づいて作製されたプローブと、ストリンジエントな条件下でハイブリダイズすることができ、且つコレクチンタンパク質をコードするポリヌクレオチド。

4. 前記プローブが、以下の塩基配列すなわち、

ttttgaaggaggttcacatacc (配列番号：7) 及び

15 ctgcacaaacacatcatacgctg (配列番号：8)

で示される塩基配列を有するプライマーを用いて行ったPCR反応の増幅産物である請求の範囲第3項記載のポリヌクレオチド。

5. 請求の範囲第1乃至4項のいずれかに記載のポリヌクレオチドと
 ストリンジエントな条件下でハイブリダイズでき、該ポリヌクレオチド
 20 によってコードされるタンパク質が、(1) Ca^{2+} 要求性の糖認識領域
 (CRD)、(2) ネック領域、(3) コラーゲン様領域、及び(4) システインを含むN末端領域を含む、ヒトコレクチンタンパク質であるポリ
 ヌクレオチド。

6. 前記ポリヌクレオチドが、cDNAである請求の範囲第1乃至5項の
 25 いずれかに記載のポリヌクレオチド。

7. 請求の範囲第3乃至6項のいずれかに記載のポリヌクレオチドに

よってコードされるコレクチンタンパク質。

8. 以下のアミノ酸配列すなわち、

Met-Asn-Gly-Phe-Ala-Ser-Leu-Leu-Arg-Arg-Asn-Gln-Phe-Ile-Leu-Leu-
 Val-Leu-Phe-Leu-Leu-Gln-Ile-Gln-Ser-Leu-Gly-Leu-Asp-Ile-Asp-Ser-
 5 Arg-Pro-Thr-Ala-Glu-Val-Cys-Ala-Thr-His-Thr-Ile-Ser-Pro-Gly-Pro-
 Lys-Gly-Asp-Asp-Gly-Glu-Lys-Gly-Asp-Pro-Gly-Glu-Glu-Gly-Lys-His-
 Gly-Lys-Val-Gly-Arg-Met-Gly-Pro-Lys-Gly-Ile-Lys-Gly-Glu-Leu-Gly-
 Asp-Met-Gly-Asp-Arg-Gly-Asn-Ile-Gly-Lys-Thr-Gly-Pro-Ile-Gly-Lys-
 Lys-Gly-Asp-Lys-Gly-Glu-Lys-Gly-Leu-Leu-Gly-Ile-Pro-Gly-Glu-Lys-
 10 Gly-Lys-Ala-Gly-Thr-Val-Cys-Asp-Cys-Gly-Arg-Tyr-Arg-Lys-Phe-Val-
 Gly-Gln-Leu-Asp-Ile-Ser-Ile-Ala-Arg-Leu-Lys-Thr-Ser-Met-Lys-Phe-
 Val-Lys-Asn-Val-Ile-Ala-Gly-Ile-Arg-Glu-Thr-Glu-Glu-Lys-Phe-Tyr-
 Tyr-Ile-Val-Gln-Glu-Glu-Lys-Asn-Tyr-Arg-Glu-Ser-Leu-Thr-His-Cys-
 Arg-Ile-Arg-Gly-Gly-Met-Leu-Ala-Met-Pro-Lys-Asp-Glu-Ala-Ala-Asn-
 15 Thr-Leu-Ile-Ala-Asp-Tyr-Val-Ala-Lys-Ser-Gly-Phe-Phe-Arg-Val-Phe-
 Ile-Gly-Val-Asn-Asp-Leu-Glu-Arg-Glu-Gly-Gln-Tyr-Met-Phe-Thr-Asp-
 Asn-Thr-Pro-Leu-Gln-Asn-Tyr-Ser-Asn-Trp-Asn-Glu-Gly-Glu-Pro-Ser-
 Asp-Pro-Tyr-Gly-His-Glu-Asp-Cys-Val-Glu-Met-Leu-Ser-Ser-Gly-Arg-
 Trp-Asn-Asp-Thr-Glu-Cys-His-Leu-Thr-Met-Tyr-Phe-Val-Cys-Glu-Phe-
 20 Ile-Lys-Lys-Lys-Lys (配列番号: 2)

で示されるアミノ酸配列を含むコレクチンタンパク質。

9. 以下の塩基配列すなわち、

cagcaatgaa tggcttgca tccttgcttc gaagaaacca atttatacc
 cttggtaatctat ttccttttgc aatccagatc ctgggtctgg atattgatag
 25 cccgttcttacc gctgaagtct gtgccacaca cacaatttca ccaggacc
 aaggagatga tggtgaaaaa ggagatccag gagaagaggg aaagcatggc

tataccaga t a g g t g c t t t g a a c c c t t t c t t g a g g c t c a c a c t t a a t c

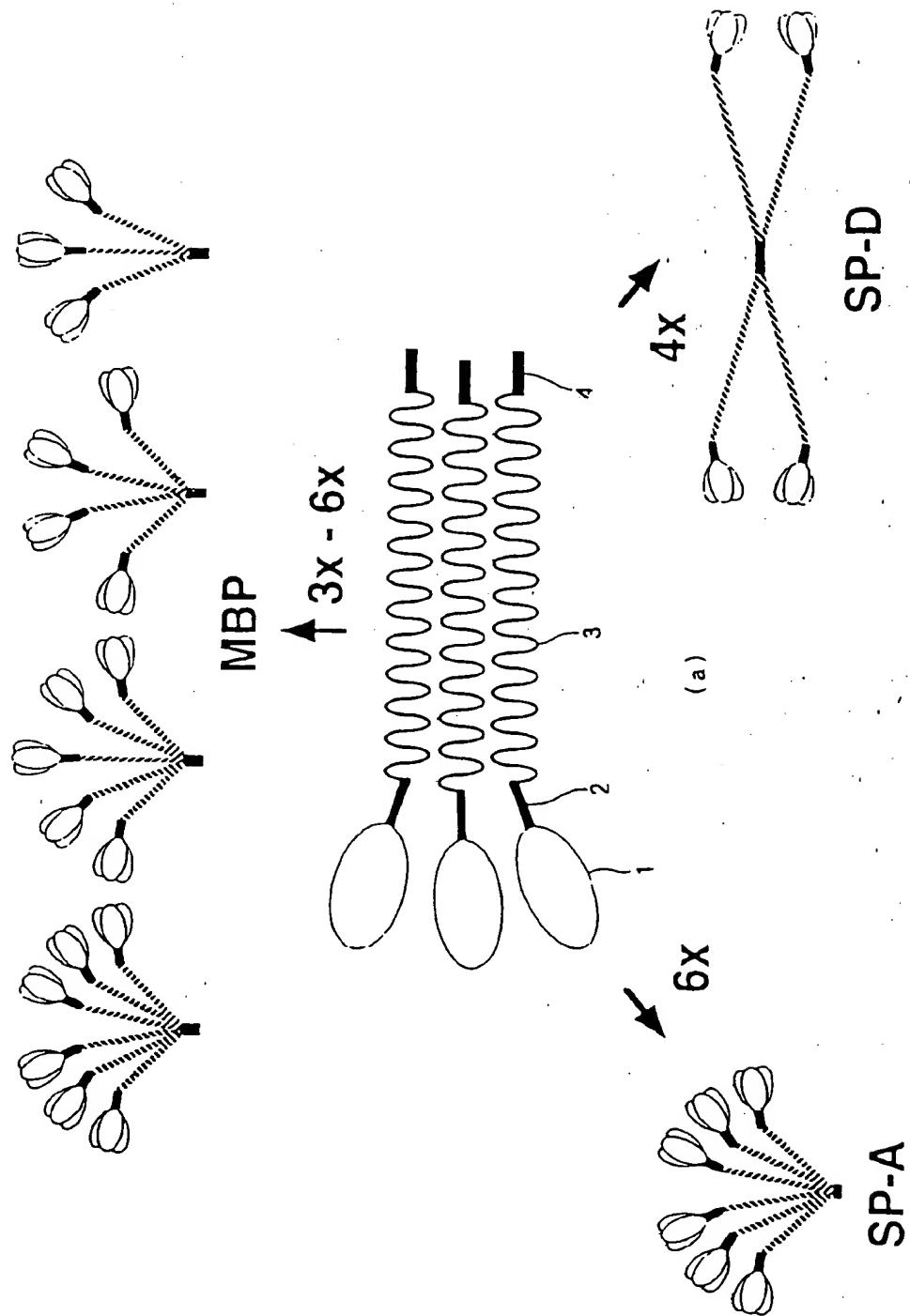
t c a g g c c c t t a t a g t c a c a c t t g a t t a a g a a a a a a n c g g a g c c

(配列番号：1) で示される塩基配列を有するポリヌクレオチドによつてコードされるアミノ酸配列を含むコレクチンタンパク質。

5 10. 前記コレクチンタンパク質が、ヒト由来のコレクチンタンパク質である請求の範囲第7乃至9項のいづれかに記載のコレクチンタンパク質。

11. 請求の範囲第7乃至10項のいづれかに記載のコレクチンタンパク質のアミノ酸配列において、1または複数のアミノ酸が欠失、置換及び／または付加されたアミノ酸配列からなり、且つ、(1) Ca^{2+} 要求性の糖認識領域(CRD)、(2) ネック領域、(3) コラーゲン様領域、及び(4) システインを含むN末端領域、を含むことを特徴とするコレクチンタンパク質。

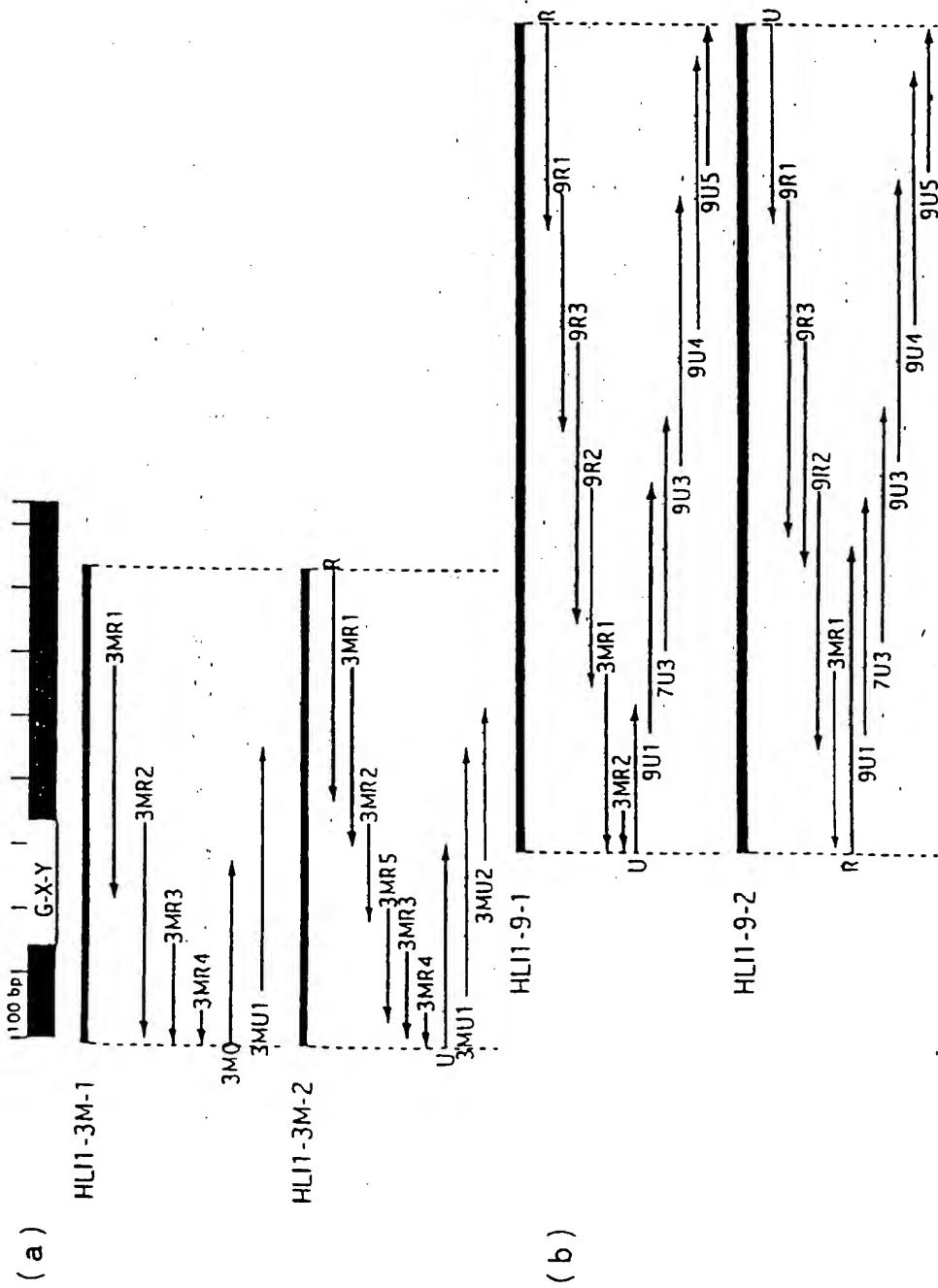
1/11



2/11

MBP	[GDPG-[KSPD[DSS]AA-----SERKFLTEMARIKKWLTFSL[GKQVGNKFFLTNGEIMTFEV
SP-A	--PAHLDDEELQATIHD---FRH[GILQTRGALS-LQCSI-----MTIVGERVFSNSQOSITFDAI
SP-D	[GIPGD[KAKGES[GPPDVASLQOQVEALQGQVQHILQAAFSQYKVKVLELPNGQsVGEKIEFKTAGFVKPFTEA 280
	[KALCVKFOASVATP RNAAENCAIQMII---KEEAFLGIITDEKTEGQFVDLTGMRP[YTWNNEGEPMNAGS
	QEACARAGGRIAVPRNP[EENEAIASFVKKYNTYYAVGLIEGSPSGDFRYSDFGTPVNYTNMVRGEPA[RG-
	QILCQAGGOLASPRSAENAALQQLVAKNEAFLSMTDSKTECKFHYPTGE[STVYNSMAPGEPMNDGG 350
	[DEDCEVLLI[LNGQWVDFE[STSEIAYCCE[SPI *
	KEQCVEMYIDGQWNDRNLYSR[TCIEF*--
	SEDCVEIIFTNGF[WNDRA[AGEKRIIVCEF*--

4/11



5/11

70

80

210

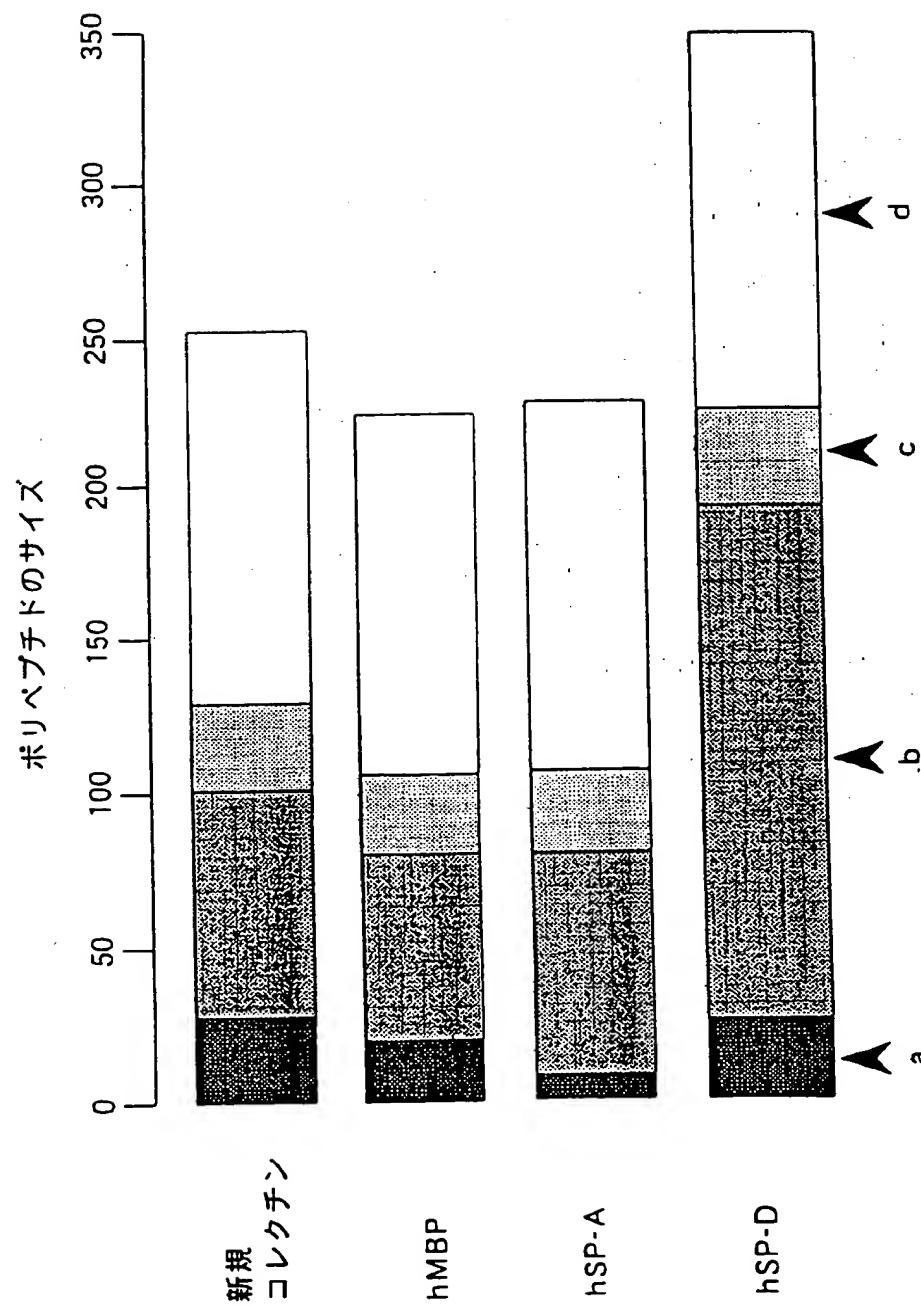
6/11

MBP [G]K[G]P[G]-K[S]P[D]P[S]I[A]A---SER[K]A[L]Q[T]E[M]A[R]I[K]K[W]L[T]E[S]I[G]K[O]V[G]N[K]F[IL]I[N]G[E]I[M]T[F]
 SP-A ---PA[H]LDEELQ[A]T[I]H[D]---F[R]H[Q]I[I]Q[T]P[G]A[L]-L[G]O[S]I---M[T]V[G]E[K]W[F]S[S]N[G]Q[S]I[T]F
 SP-D [G]D[K]G[I]P[G]P[G]A[K]E[S]Q[P]D[V]A[S]U[R]Q[V]E[A]L[G]O[V]Q[H]L[G]A[F]S[Q]V[K]V[E]L[F]P[N]Q[S]V[G]E[K]I[K]P[A]G[F]V[P]F
 280 五段コレクタ

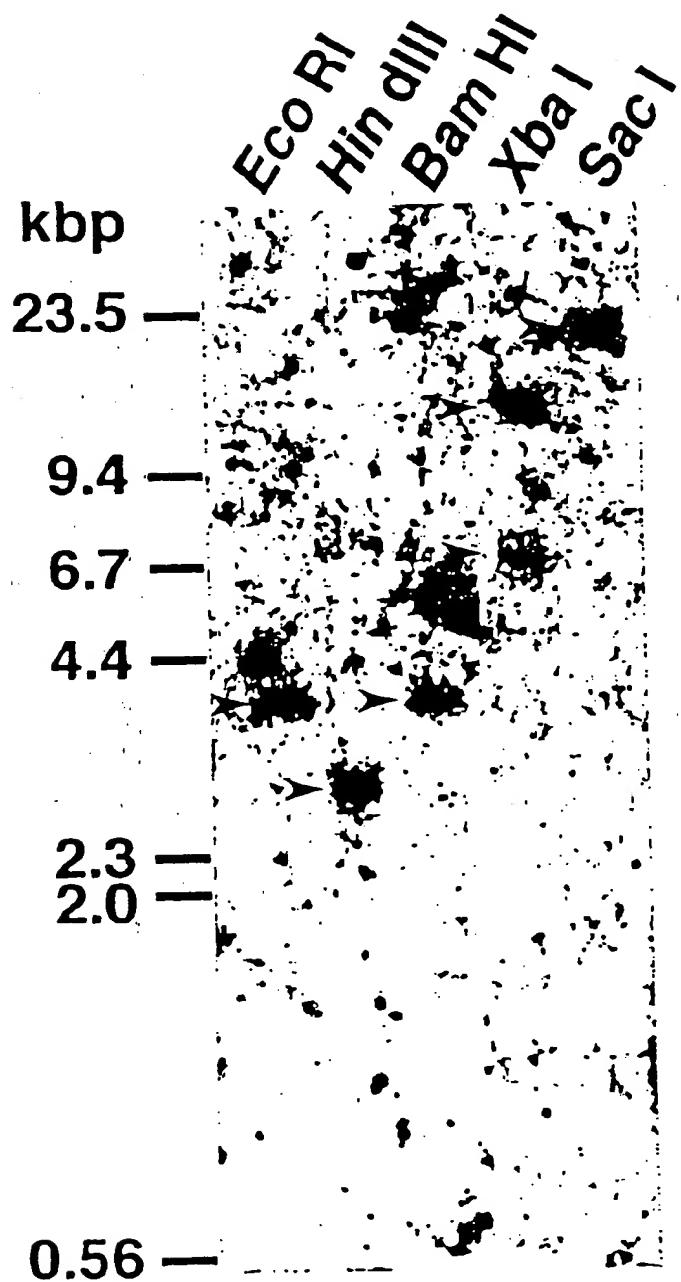
E[K]V[K]A[L]C[V]K[F]Q[A]S[V]A[T]P[R]N[A]A[N]G[A]I[O]N[I]---K[E]E-A[F]L[G]I[T]D[E]K[T]E[G]Q[F]V[D]L[T]C[N]R[I]T-Y[T]N[W]N[E]G[E]P
 D[A]I[Q]E[A]C[A]R[A]G[G]R[I]A[V]P[R]N[P]E[N]E[A]I[S]F[V]K[Y]N[Y]-A[Y]V[G]L[E]G[P]S[P]G[D]P[Y]S[D]G[T]P[V]N-Y[T]N[W]Y[R]G[E]P
 T[E]A[Q]I[L]C[T]Q[A]G[G]Q[L]A[S]P[R]S[A]E[N]A[M]Q[Q]L[V]A[X]N[E]A-A[F]L[S]M[D]S[K]T[E]G[K]E[N]I[Y]P[T]C[S]I[V]-Y[S]N[W]A[P]G[E]P
 R[E]S[L]T[H]C[R]I[R]G[G]M[A]M[K]D[E]A[N]T[L]A[p]V[A]R[S]G[F]R[V]F[I]G[V]N[D]L[E]R[E]G[G]Q[Y]M[F]T[D]N[I]P[L]Q[N]Y[S]N[W]N[E]G[E]P 350

N[A]G[S]D[E]D[C]V[L]I[K]G[Q]W[N]D[P]C[S]T[S]I[T]P[A]V[C]E[F]P[I]*---
 A[G]R[G]-K[E]Q[C]V[E]M[I]D[G]Q[W]N[D]R[N]C[I]S[R]L[T]I[C]E[F]*---
 N[D]G[G]S[E]D[C]V[E]I[F]T[G]W[N]D[R]A[G]E[K]E[R]U[W]V[C]E[F]*---
 S[D]P[Y]G[H]E[D]C[V]E[M]L[S]G[R]W[N]D[T]E[C]H[L]T[M]Y[F]V[C]E[F]I[K]K[K]*

7/11



8/11



9/11

a b c d e f g h

kb**9.5 —****7.5 —****4.4 —****-3.8****2.4 —****1.35 —****-1.2**

10/11

a b c d e f g h

kbp

23.9 —

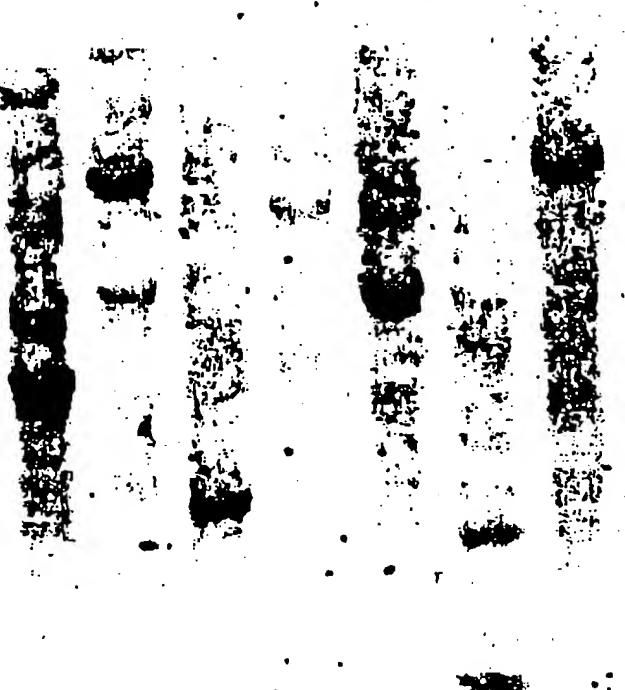
9.4 —

6.7 —

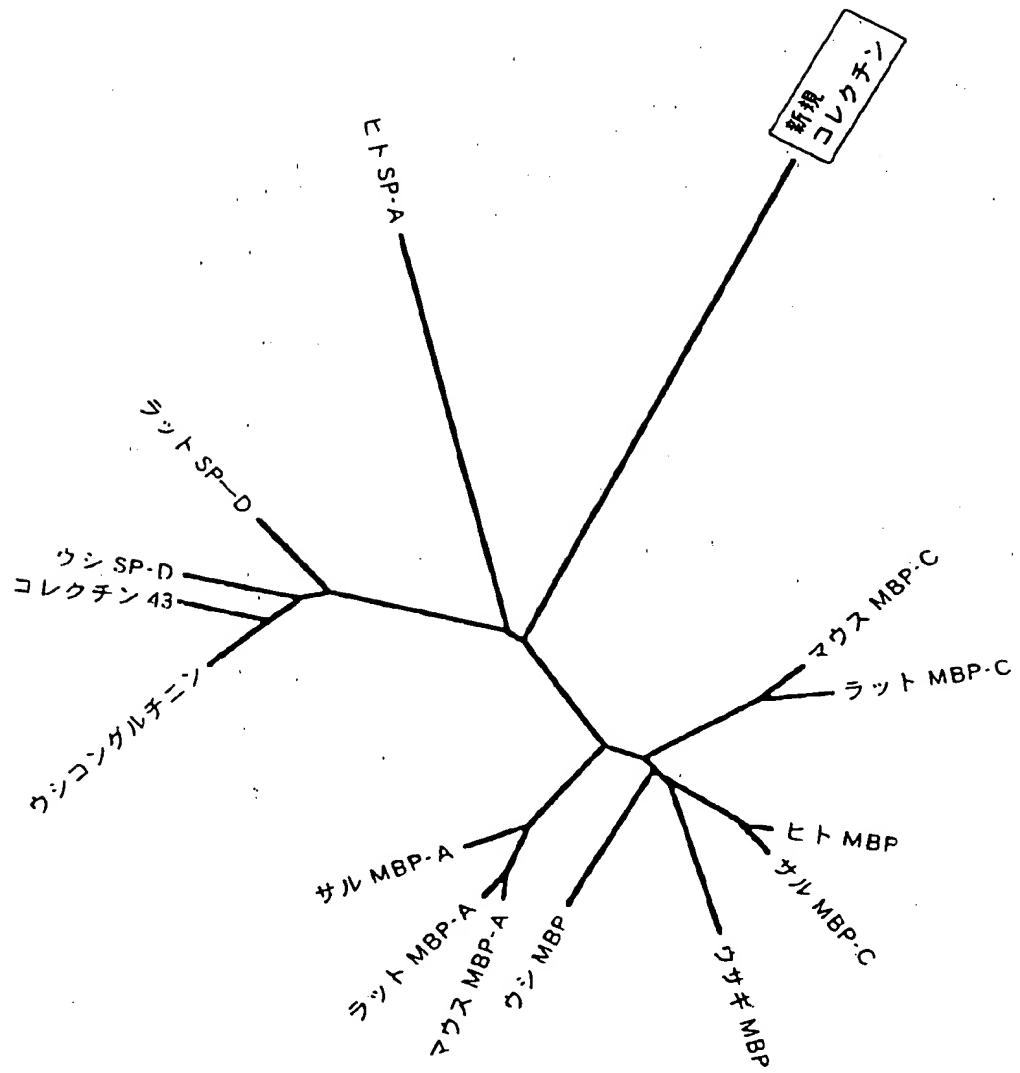
4.4 —

2.3 —

2.0 —



11/11



1 / 17
SEQUENCE LISTING

<110> FUSO PHARMACEUTICAL INDUSTRIES, LTD.

<120> Novel Collectin

<130> 98P069

<150> JP 10-11281

<151> 1998-01-23

<160> 26

<210> 1

<211> 1595

<212> DNA

<213> Homo Sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (6).. (836)

<400> 1

cagca atg aat ggc ttt gca tcc ttg ctt cga aga aac caa ttt atc

47

Met Asn Gly Phe Ala Ser Leu Leu Arg Arg Asn Gln Phe Ile

2 / 17

ctc ctc gta cta ttt ctt ttc caa att cug agt ctc ggt ctc gat att 95
 Leu Leu Val Leu Phe Leu Leu Gln Ile Gln Ser Leu Gly Leu Asp Ile
 15 20 25 30
 gat agc cgt cct acc gct gaa gtc tgt gcc aca ctc aca att tca cca 143
 Asp Ser Arg Pro Thr Ala Glu Val Cys Ala Thr His Thr Ile Ser Pro
 35 40 45
 gga ccc aaa gga gat gat ggt gaa aaa gga gat cca gga gaa gag gga 191
 Gly Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Gly Asp Pro Gly Glu Glu Gly
 50 55 60
 aag cat ggc aaa gtc gga cgc atg ggg ccc aaa gga att aaa gga gaa 239
 Lys His Gly Lys Val Gly Arg Met Gly Pro Lys Gly Ile Lys Gly Glu
 65 70 75
 ctg ggt gat atg gga gat cgg ggc aat att ggc aag act ggg ccc att 287
 Leu Gly Asp Met Gly Asp Arg Gly Asn Ile Gly Lys Thr Gly Pro Ile,
 80 85 90
 ggg aag aag ggt gac aaa ggg gaa aaa ggt ttc ctt gga ata cct gga 335
 Gly Lys Lys Gly Asp Lys Gly Glu Lys Gly Leu Leu Gly Ile Pro Gly
 95 100 105 110
 gaa aaa ggc aaa gca ggt act gtc tgt gat tgt gga aga tac cgg aaa 383
 Glu Lys Gly Lys Ala Gly Thr Val Cys Asp Cys Gly Arg Tyr Arg Lys
 115 120 125
 ttt gtt gga caa ctc gat att agt att gcc cgg ctc aag aca tct atg 431
 Phe Val Gly Gln Leu Asp Ile Ser Ile Ala Arg Leu Lys Thr Ser Met
 130 135 140

3 / 17

aag ttt gtc aag aat gtg ata gca ggg att agg gaa act gaa gag aaa 479
 Lys Phe Val Lys Asn Val Ile Ala Gly Ile Arg Glu Thr Glu Glu Lys
 145 150 155
 ttc tac tac atc gtg cag gaa gag aag aac tac agg gaa tcc cta acc 527
 Phe Tyr Tyr Ile Val Gln Glu Glu Lys Asn Tyr Arg Glu Ser Leu Thr
 160 165 170
 cac tgc agg att egg ggt gga atg cta gca atg ccc aag gat gaa gct 575
 His Cys Arg Ile Arg Gly Gly Met Leu Ala Met Pro Lys Asp Glu Ala
 175 180 185 190
 gcc aac aca ctc atc gct gac tat gtt gcc aag aat ggc ttc ttt cgg 623
 Ala Asn Thr Leu Ile Ala Asp Tyr Val Ala Lys Ser Gly Phe Phe Arg
 195 200 205
 gtg ttc att ggc gtg aat gac ctt gaa agg gag gga cag tac atg ttc 671
 Val Phe Ile Gly Val Asn Asp Leu Glu Arg Glu Gly Gln Tyr Met Phe
 210 215 220
 aca gac aac act cca ctc cag aac tat aac aac tgg aat gag ggg gaa 719
 Thr Asp Asn Thr Pro Leu Gln Asn Tyr Ser Asn Trp Asn Glu Gly Glu
 225 230 235
 ccc aac gac ccc tat ggt cat gag gac tgc tgc gag atg ctc aac tct 767
 Pro Ser Asp Pro Tyr Gly His Glu Asp Cys Val Glu Met Leu Ser Ser
 240 245 250
 ggc aca tgg aat gac aca gag tgc cat ctt aac atg tac ttt gtc tgt 815
 Gly Arg Trp Asn Asp Thr Glu Cys His Leu Thr Met Tyr Phe Val Cys
 255 260 265 270

4 / 17

gag ttc atc aag aag aat aag taaatccctt caccctacgt atttgtat 866

Glu Phe Ile Lys Lys Lys Lys

275

tccctgtgac cgccatcaca gttttttttt tccatccctt ttccctgtat tttttttttt	926
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	986
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1046
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1106
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1166
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1226
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1286
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1346
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1406
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1466
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1526
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1586
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	1595

<210> 2

<211> 277

<212> PRT

<213> Homo Sapiens

<400> 2

Met Asn Gly Phe Ala Ser Leu Leu Arg Arg Asn Gln Phe Ile Leu Leu

1

5

10

15

5 / 17

Val Leu Phe Leu Leu Gln Ile Gln Ser Leu Gly Leu Asp Ile Asp Ser
20 25 30

Arg Pro Thr Ala Glu Val Cys Ala Thr His Thr Ile Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Gly Asp Pro Gly Glu Glu Gly Lys His
50 55 60

Gly Lys Val Gly Arg Met Gly Pro Lys Gly Ile Lys Gly Glu Leu Gly
65 70 75 80

Asp Met Gly Asp Arg Gly Asn Ile Gly Lys Thr Gly Pro Ile Gly Lys
85 90 95

Lys Gly Asp Lys Gly Glu Lys Gly Leu Leu Gly Ile Pro Gly Glu Lys
100 105 110

Gly Lys Ala Gly Thr Val Cys Asp Cys Gly Arg Tyr Arg Lys Phe Val
115 120 125

Gly Gln Leu Asp Ile Ser Ile Ala Arg Leu Lys Thr Ser Met Lys Phe
130 135 140

Val Lys Asn Val Ile Ala Gly Ile Arg Glu Thr Glu Glu Lys Phe Tyr
145 150 155 160

Tyr Ile Val Gln Glu Glu Lys Asn Tyr Arg Glu Ser Leu Thr His Cys
165 170 175

Arg Ile Arg Gly Gly Met Leu Ala Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn
180 185 190

Thr Leu Ile Ala Asp Tyr Val Ala Lys Ser Gly Phe Phe Arg Val Phe
195 200 205

Ile Gly Val Asn Asp Leu Glu Arg Glu Gly Gln Tyr Met Phe Thr Asp
210 215 220

6 / 17

Asn Thr Pro Leu Gln Asn Tyr Ser Asn Trp Asn Glu Gly Glu Pro Ser

225

230

235

240

Asp Pro Tyr Gly His Glu Asp Cys Val Glu Met Leu Ser Ser Gly Arg

245

250

255

Trp Asn Asp Thr Glu Cys His Leu Thr Met Tyr Phe Val Cys Glu Phe

260

265

270

Ile Lys Lys Lys Lys

275

<210> 3

<211> 27

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Consensus sequence of collectins which were reported
heretofore.

<400> 3

Glu Lys Cys Val Glu Met Tyr Thr Asp Gly Lys Trp Asn Asp Arg Asn

5

10

15

Cys Leu Gln Ser Arg Leu Ala Ile Cys Glu Phe

20

25

<210> 4

<211> 14

7 / 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Pre-sequence of an Insert.

<400> 4

gaattcggca cgag

14

<210> 5

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> M13 Universal Primer Sequence for Sequencing.

<400> 5

cgacgttgta aaacgacggc cagt

24

<210> 6

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

8 / 17

<223> M13 Reverse Primer Sequence for Sequencing.

<400> 6

caggaaaca gctatgac

17

<210> 7

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Reverse Primer for Screening a Novel
Collection.

<400> 7

ttttagatgg a ggcctccatac c

21

<210> 8

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Forward Primer for Screening a Novel
Collection.

9 / 17

<400> 8

ctgccaacac actctatcgat g

21

<210> 9

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a λ gt11 Reverse Primer for Sequencing.

<400> 9

ttgacacccag accaactggtaatg

24

<210> 10

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a λ gt11 Forward Primer for Sequencing.

<400> 10

ggtaggcgacg actccatggat ccgg

24

<210> 11

10 / 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 11

taatggtagc gaccggcgct 20

<210> 12

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 12

aaacccaatit atacccctgg 20

<210> 13

<211> 20

<212> DNA

11 / 17

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 13

aatatggca agactgggcc

20

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 14

gatgagtgtg tggcagcat

20

<210> 15

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

12 / 17

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 15

gtatcttcca caatcacaga

20

<210> 16

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 16

ttaattcctt tcggcccat

20

<210> 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

13 / 17

Collectin.

<400> 17

gcaaaaagaaaa tagttaccagg

20

<210> 18

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

Collectin.

<400> 18

catatcaccc agtttcctt

20

<210> 19

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

Collectin.

14 / 17

<400> 19

agcagggattt aggaaactg

20

<210> 20

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

Collectin.

<400> 20

ctgtgagcgt cattacagtt

20

<210> 21

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

Collectin.

<400> 21

ggttgtctat atgtcaaaatg

20

<210> 22

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 22

atggccatg gctatacttg

20

<210> 23

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 23

atcgctgac tatgttgccaa

20

<210> 24

16 / 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 24

caagtatagc catggccata

20

<210> 25

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel
Collectin.

<400> 25

aactgtaatg acgctcacag

20

<210> 26

<211> 20

<212> DNA

17 / 17

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Sequence of a Synthetic Primer for Sequencing a Novel

Collectin.

<400> 26

catttgacat atgaacaacc

20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP98/03328

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER Int.Cl' C12N15/12, C07K14/47, A01N63/00		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) Int.Cl' C12N15/12, C07K14/47, A01N63/00		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) DDBJ/GenBank/EMBL, WPI (DIALOG), MEDLINE (STN), BIOSIS (DIALOG)		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	KAWAI, T. et al., "Cloning and characterization of a cDNA encoding bovine mannose-binding protein", Gene (1997) Vol. 186, No. 2, p.161-165	1-11
A	NEPOMUCENO, R.R. et al., "cDNA cloning and primary structure analysis of ClqR(P) . . .", Immunity (1997) Vol. 6, No. 2, p.119-129	1-11
A	LIPSCOMB, R.J. et al., "Mutations in the human mannose-binding gene: frequencies in several population groups", Eur. J. Hum. Genet. (1996) Vol. 4, No. 1, p.13-19	1-11
A	LIM, B.L. et al., "Primary structure of bovine collection . . .", J. Biol. Chem. (1994) Vol. 269, No. 16, p.11820-11824	1-11
<input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/> See patent family annex.		
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier document but published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed		"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art "&" document member of the same patent family
Date of the actual completion of the international search 16 October, 1998 (16. 10. 98)		Date of mailing of the international search report 27 October, 1998 (27. 10. 98)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office		Authorized officer
Facsimile No.		Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N15/12, C07K14/47, A01N63/00

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N15/12, C07K14/47, A01N63/00

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

DDBJ/GenBank/EMBL, WPI (DIALOG),
MEDLINE (STN), BIOSIS (DIALOG)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	KAWAI, T. et al. "Cloning and characterization of a cDNA encoding bovine mannan-binding protein", Gene (1997) 第186巻, 第2号, p. 161-165	1-11
A	NEPOMUCENO, R. R. et al. "cDNA cloning and primary structure analysis of ClqR(P) ...", Immunity (1997) 第6巻, 第2号, p. 119-129	1-11
A	LIPSCOMBE, R. J. et al. "Mutations in the human mannose-binding gene: frequencies in several population groups", Eur. J. Hum. Genet. (1996) 第4巻, 第1号, p. 13-19	1-11

[X] C欄の続きにも文献が列挙されている。

 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの

「I」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 16. 10. 98	国際調査報告の発送日 27.10.98	
国際調査機関の名称及びあて先 日本特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 小暮 道明 電話番号 03-3581-1101 内線 3449	4B 9358

C (続き) 関連すると認められる文献		関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
A	LIM, B. L. et al. "Primary structure of bovine collectin ...", J. Biol. Chem. (1994) 第269巻, 第16号 p.11820-11824	1-11

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.